

研究・調査報告書

分類番号	報告書番号	担当
A-190	13-016	滋賀医科大学社会医学講座公衆衛生学部門
題名 (原題/訳)		
Genetic analysis of a population heavy drinking phenotype identifies risk variants in whites. 白人集団における過度の飲酒の表現型の遺伝分析によるリスク変異の同定		
執筆者		
Hamidovic A, Goodloe RJ, Young TR, Styn MA, Mukamal KJ, Choquet H, et al.		
掲載誌		
J Clin Psychopharmacol. 2013 Apr;33(2):206-10. doi: 10.1097/JCP.0b013e318287009a.		
キーワード		PMID
遺伝、白人、表現型、飲酒、リスク変異		23422394
要 旨		
<p>目的： 遺伝的関連研究は、今までは遺伝子座と関連するリスクを同定するためにアルコール依存症の詳細な診断に使われてきた。本概念実証分析は、生涯の過度のアルコール摂取の人口データが、リスクを調節する遺伝子座を同定するのに使えるかどうかを検討する。</p> <p>方法： ヨーロッパ系アメリカ人を対象とし、the Candidate gene Association Resource project の一端として約 2,100 の遺伝子の変異とアルコール摂取の遺伝的関連研究を実施した。ほぼ毎日 5 杯以上/日の飲酒経験がある人達を症例、現在の軽飲酒者 (1~5 杯/週) を対照と定義した。2 つのコホート (Atherosclerosis Risk in Communities (ARIC), Cardiovascular Health Study (CHS)) の非血縁者のメタアナリシスと血縁者のコホート (Framingham Heart Study (FHS)) で交差検定を行い、一塩基変異多型を同定した。</p> <p>結果： ARIC と CHS のメタアナリシスで最も有意な変異はメチレンテトラヒドロ葉酸脱水素酵素の rs6933598 ($P=7.46 \times 10^{-05}$) で、FHS の P 値は 0.042 であった。FHS の最上位の変異はキュビリンの rs12249562 ($P=3.03 \times 10^{-05}$) とコレシストキニンの近くの rs9839267 ($P=3.05 \times 10^{-05}$) で、CHS の P 値は rs9839267 で 0.019 であった。</p> <p>結論： 遺伝的関連分析より、過度の飲酒の生涯発生率を予測できる可能性を示した。</p>		